日立液体クロマトグラフ
質量分析計

LIT-q-TOF

NanoFrontier eLD

Power

Communication

Flight

⚠ 安全に関するご注意

●ご使用の前に「取扱説明書」をよくお読みのうえ正しくご使用ください。

本カタログに記載のデータは測定例を示すもので、数値を保証するものではありません。

●製造・販売

株式会社日立ハイテクノロジーズ

科学システム営業統括本部　〒105-8717　東京都港区西新橋一丁目24番14号　(03) 3504-7211

北海道(札幌) (011)707-3343　関　西(大阪) (06)4807-2551　中　国(広島) (082)221-4514
東　北(仙台) (022)264-2211　京　都 (075)241-1591　九　州(福岡) (092)778-3005
筑　波(土浦) (029)825-4811　四　国(高松) (087)814-9911　沖　縄 (098)863-8295
中　部(名古屋) (052)219-1683

URL http://www.hitachi-hitec.com/science/

分析機器に関する各種お問い合わせは・・・
お客様サポートセンタ　電話 (03) 3504-7211
受付時間 8:50〜11:50 12:45〜17:30 (土・日・祝日および弊社休日を除く)

●保守・サービス

株式会社日立ハイテクフィールディング

本　社　〒160-0004　東京都新宿区四谷四丁目28番8号　(03) 5379-2340

URL http://www.hitachi-hitec.com/fielding/

メンテナンス・消耗品・使い方に関するお問い合わせは・・・
お客様サポートセンタ　電話 (0120) 203-813
受付時間 9:00〜17:30 (土・日・祝日および弊社休日を除く)
E-Mail bunseki@cs.hisco.co.jp

お問い合わせは――

●このカタログに掲載した製品は、改善のため外観または仕様の一部を予告なく変更することがあります。
●本製品を輸出される場合には、外国為替及び外国貿易法並びに米国の輸出管理関連法規などの規制をご確認のうえ、必要な手続きをお取りください。
なお、ご不明な場合は、弊社担当営業にお問い合わせください。

PRINTED WITH SOY INK

再生紙を使用し、「大豆インキ」で印刷しています。

HTB-182P　2009.8
Printed in Japan(H)

さらに進化した"リニアイオントラップ"(LIT)-q-TOF搭載の"NanoFrontier eLD"がタンパク質解析から低分子構造解析まで、さまざまな分野でのニーズにお応えします。

NanoFrontier eLDは、高感度LITと高精度·高分解能TOFを組み合わせたハイブリッド型LC/MS/MSシステムです。
従来の3つの分析モード「LIT-TOFモード」、「q-TOFモード」、「TOFモード」に加え、
新たに「QuECD®モード」を追加しました。
QuECD®モードは通常のMS/MS分析で使用されるCID(Collision Induced Dissociation)を補う
新たなMS/MS分析法として注目されています。
通常のCIDとは開裂機構が異なるため別の視点からの構造解析が期待されます。
また、新規自社開発のADC(Analog to Digital Converter)を搭載することで、
広いダイナミックレンジを実現し、定量分析へも応用分野を広げました。

LC部分は、nano LCからsemi-micro LCの流量域まで、
研究の目的に応じて、広い範囲での対応が可能です。
また、LC部、MS部ともに同一メーカーで開発しているため、
充実したサポートを提供いたします。

NanoFrontier eLDの4つの分析モード

- 構造解析に有効なLITでのMS^n分析
  「LIT-TOFモード」
- 高質量範囲の分析をカバーする
  「TOFモード」
- 低分子の分析に有効なコリジョンチャンバー(q)でのMS/MS分析
  「q-TOFモード*」
- ECDによるMS/MS分析
  「QuECD®モード」NEW
  (オプション)

* q-TOFモードのqはquadrupole(四重極)

高精度·高感度　LIT-q-TOF MS

～装置の特長～

- LITとTOFの組み合わせにより、MS^n分析と高精度·高感度·高分解能分析を両立
- より高感度なLIT型を採用
- 分析の目的に応じて4種類の分析モードが選択可能
- 新しいMS/MS分析法「QuECD®モード」の搭載
- MS^n分析をサポートする充実したソフトウェアIBA*(Information Based Acquisition)
- 新規自社開発のADC(Analog to Digital Converter)により、ダイナミックレンジを拡大
- LC/MSトータルシステムとして、充実したサポートをご提供

* IBA：本機能はNEDOの助成事業の成果の一部です。

世界に先駆けた日立のLIT-q-TOF MSによる

High sensitivity

High resolution

High accuracy

High speed scan

Nano ESI　Counter Gas　TOF　ADC　(LIT)　(q)

LC部

nano LC
semi-micro LC

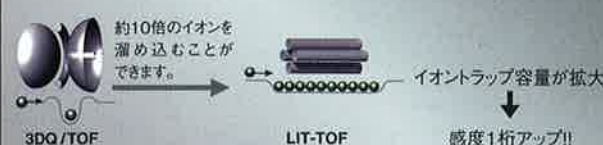
イオン源

nano ESI
semi-micro ESI/APCI
micro ESI

High sensitivity

リニアイオントラップ(LIT)

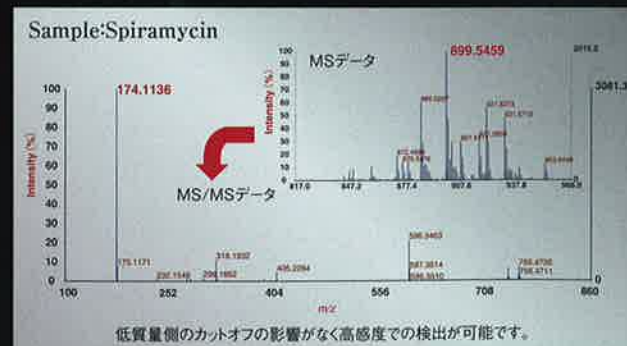
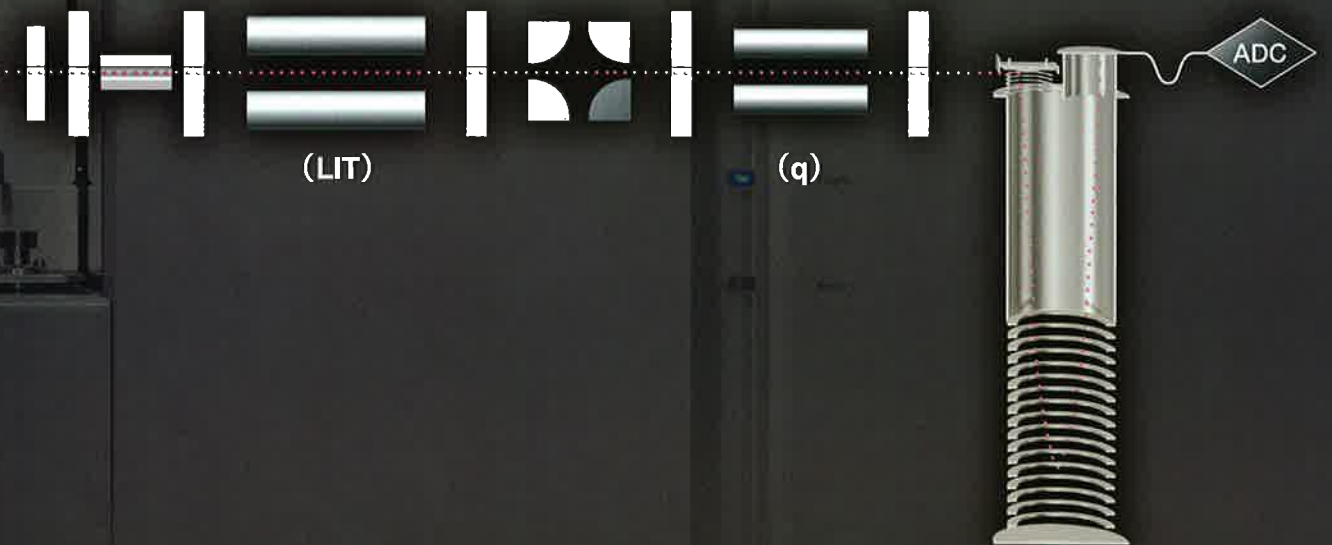
日立のLITはイオンをLITの中心軸上に収束させています。また、イオンを閉じ込める体積が増大したことで、一度に閉じ込めることのできるイオン数が向上し、高感度で実用的なMS^{n}分析を可能としました。従来の3次元イオントラップと比較すると当社比で感度が約10倍アップしています。

※ LIT-TOFモード　P7参照

高感度MS^{n}分析…
構造解析の際により多くの情報を得ることができます。

コリジョンチャンバー(q)

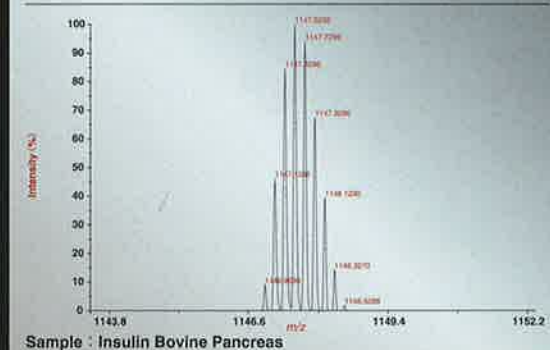
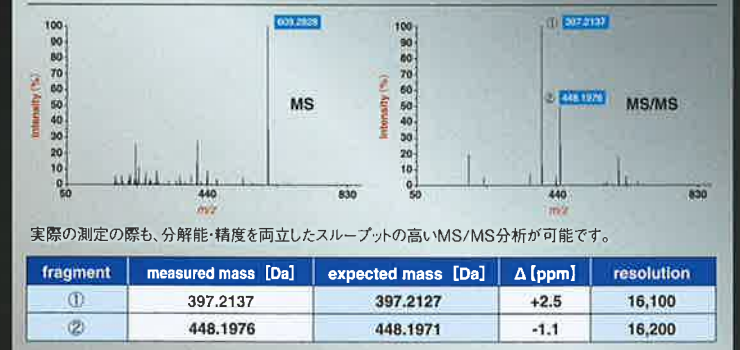
イオン光学系の改良によりコリジョンチャンバー(q)を使用するMS/MS分析を可能にしました。
LITモードで一般的に問題とされている低質量側のカットオフがありません。

※ q-TOFモード　P7参照

低質量側のカットオフの影響がなく高感度での検出が可能です。

High resolution / High accuracy / High speed scan

TOF

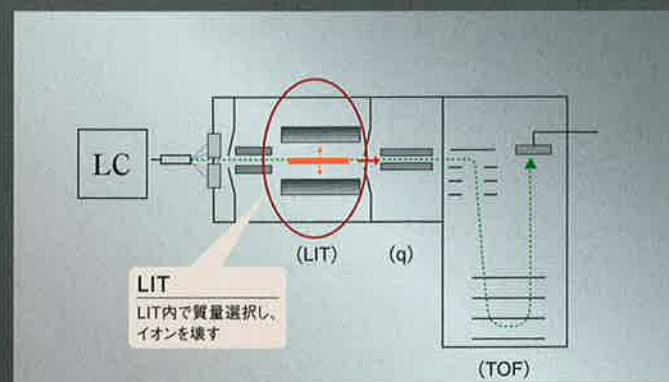
NanoFrontier eLDは、温度変化による悪影響を極力排除したイオン光学系のTOFを採用することで、わずらわしいキャリブレーション操作を頻繁に行なう必要のない、精度の高い測定を可能としました。また、極めて速い速度でのフルマススペクトル取得が可能です。スループット向上にはTOFにイオンを導入する前段階を、いかに短時間で行うかが重要となりますが、日立は、LITからTOFへのイオン光学系に、新設計のRF電界レンズを搭載し、測定スループットを向上しました。これにより、より多くの構造情報の取得を可能にしています。さらに、新規自社開発のADC(Analog to Digital Converter)の採用により広いダイナミックレンジを実現することで、定量分野への応用も可能にしました。

実際の測定の際も、分解能・精度を両立したスループットの高いMS/MS分析が可能です。

fragment	measured mass [Da]	expected mass [Da]	Δ [ppm]	resolution
①	397.2137	397.2127	+2.5	16,100
②	448.1976	448.1971	-1.1	16,200

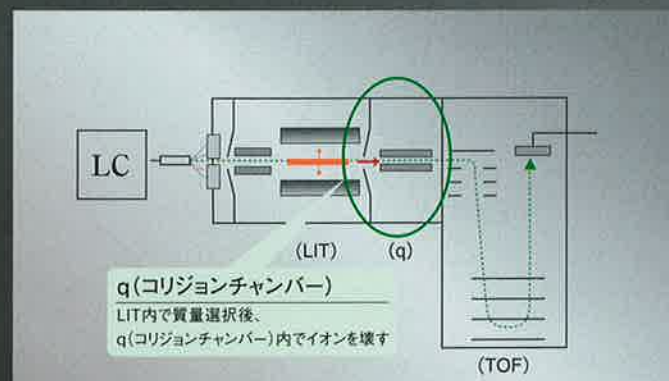
研究の目的に応じて四つの分析モードを選択

1. LIT-TOFモード

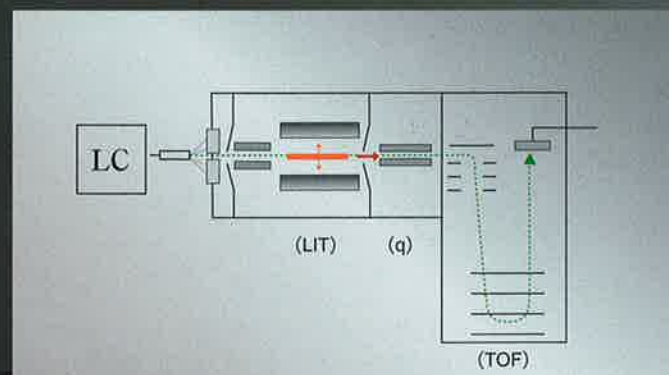
リニアイオントラップ(LIT)でのCID

LIT内で質量選択し、LIT内でイオンを解離する方法です。
イオンをLIT内にため込むことができるため、感度を必要とするサンプルや、MS^nを必要とする構造解析の際に威力を発揮します。

2. q-TOFモード

コリジョンチャンバー(q)でのCID

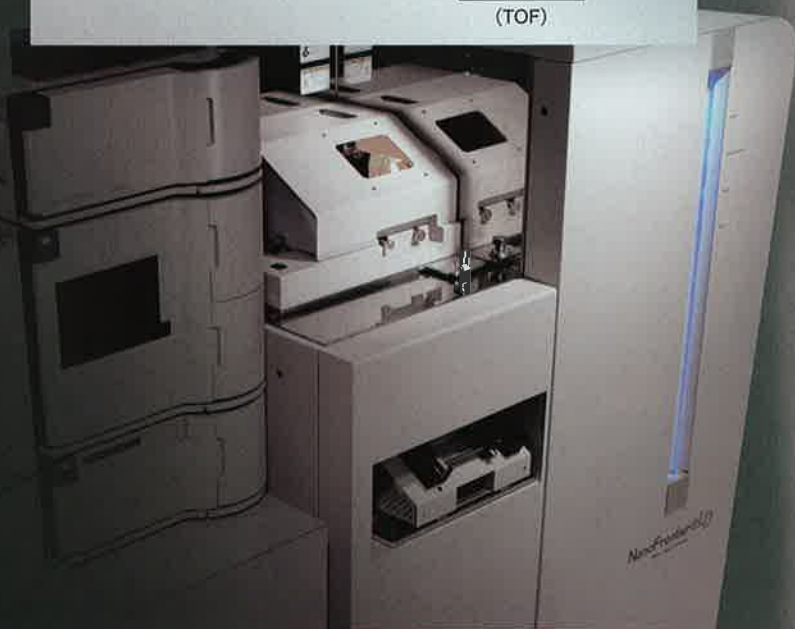
LIT内で質量選択後、コリジョンチャンバー(q)内でイオンを壊す方法です。
低質量側のフラグメントを効率良く検出します。
低分子の測定、構造解析や、ラベル化試薬を使用しての分析の際に有効です。

3. TOFモード

ESI-TOF　APCI-TOF

高質量範囲までを網羅した分析法で、より高感度な検出が可能です。
分子量情報を得るのに有効なモードです。

4. QuECD®モード　(オプション)

日立高速ECD

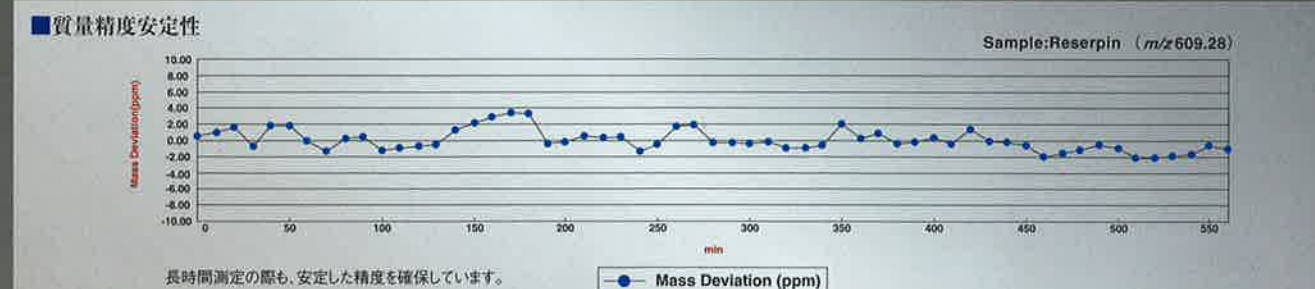
日立独自の高周波LITを用いた高速ECDです。
CIDと異なる構造情報が得られます。例えば、タンパク質の修飾基は、外れにくいため、修飾部位の特定等に有効です。

※ P5参照

高精度・高感度 MS^nによる構造解析　NanoFrontier eLD

NanoFrontier eLDは不純物解析、代謝物解析、あるいは、バイオマーカー探索などの研究分野で、化合物の構造解析をサポートします。MS^n分析を使用することで、多くのフラグメント情報を取得することができるため、より絞り込んだ構造情報が得られます。

安定した質量精度による分析

NanoFrontier eLDは、温度変化による悪影響を極力排除したイオン光学設計のTOFを採用することで、わずらわしいキャリブレーション操作を頻繁に行う必要がなく、MS分析およびMS^n分析において精度の高い測定が可能です。

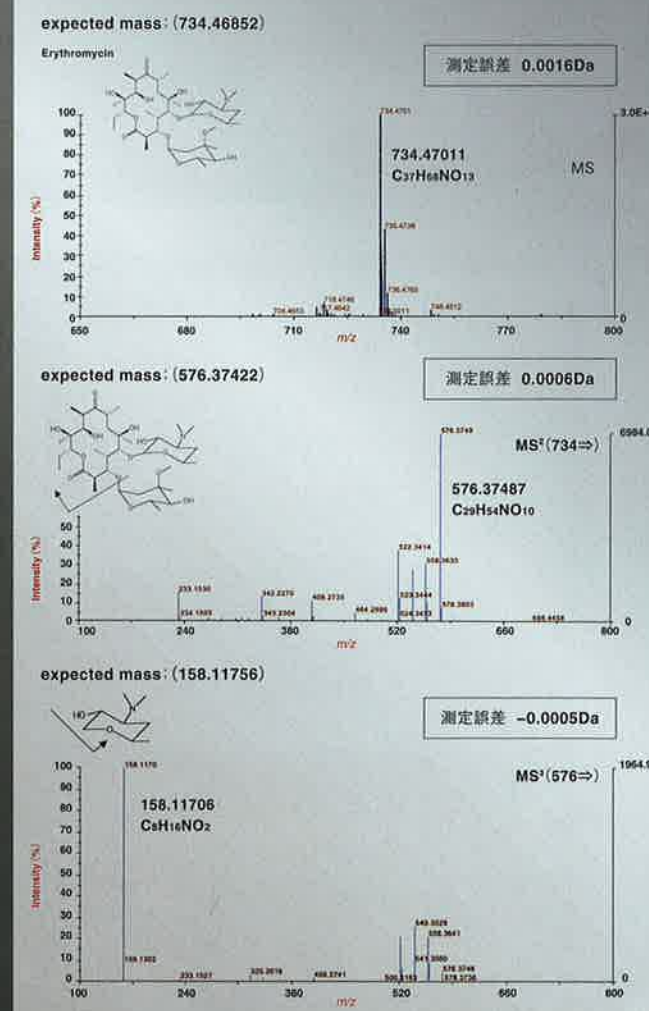
■質量精度安定性

LIT-TOFモード　MS^n分析

■MS^n質量精度

Erythromycinを用いたMS^3分析です。MS、MS/MS、MS^3分析における測定誤差を示しました。MS 0.0016Da、MS/MS 0.0006Da、MS^3 0.0005Daと安定した精度での分析が可能です。

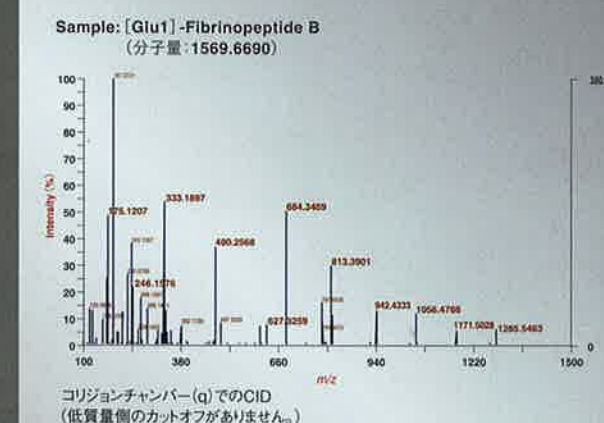
expected mass:(734.46852)
Erythromycin
測定誤差　0.0016Da
734.47011
$C_{37}H_{68}NO_{13}$
MS

expected mass:(576.37422)
測定誤差　0.0006Da
MS^2(734⇒)
576.37487
$C_{29}H_{54}NO_{10}$

expected mass:(158.11756)
測定誤差　−0.0005Da
MS^3(576⇒)
158.11706
$C_8H_{16}NO_2$

q-TOFモード　MS/MS分析

■MS/MS質量精度

[Glu[1]]-Fibrinopeptide Bを用いて質量精度0.0014Daの平均誤差が得られています。本質量精度によりプロテオミクスにおける信頼性の高い構造解析と低分子の精密質量分析による組成解析が可能です。

コリジョンチャンバー(q)でのCID
(低質量側のカットオフがありません。)

RMS error 0.0014 Da

fragment	measured mass [Da]	expected mass [Da]	ΔDa
y1	175.1207	175.119	0.0017
y2	246.1576	246.1561	0.0015
y3	333.1897	333.1881	0.0016
y4	480.2568	480.2565	0.0003
y5	627.3259	627.3249	0.0010
y6	684.3469	684.3464	0.0005
y7	813.3901	813.389	0.0011
y8	942.4333	942.4316	0.0017
y9	1056.4766	1056.4745	0.0021
y10	1171.5028	1171.5014	0.0014
y11	1285.5463	1285.5444	0.0019

精密質量分析(組成式の推定)

精密質量計算機能を使用することで、化合物の組成式を推定することができます。

LIT-TOFモード

サンプル(市販品)中に含まれる類縁物質(▼)について、MS/MS測定結果より、同位体パターンを考慮して組成式を推定し、構造を予測しました。

▶ 不純物分析への応用

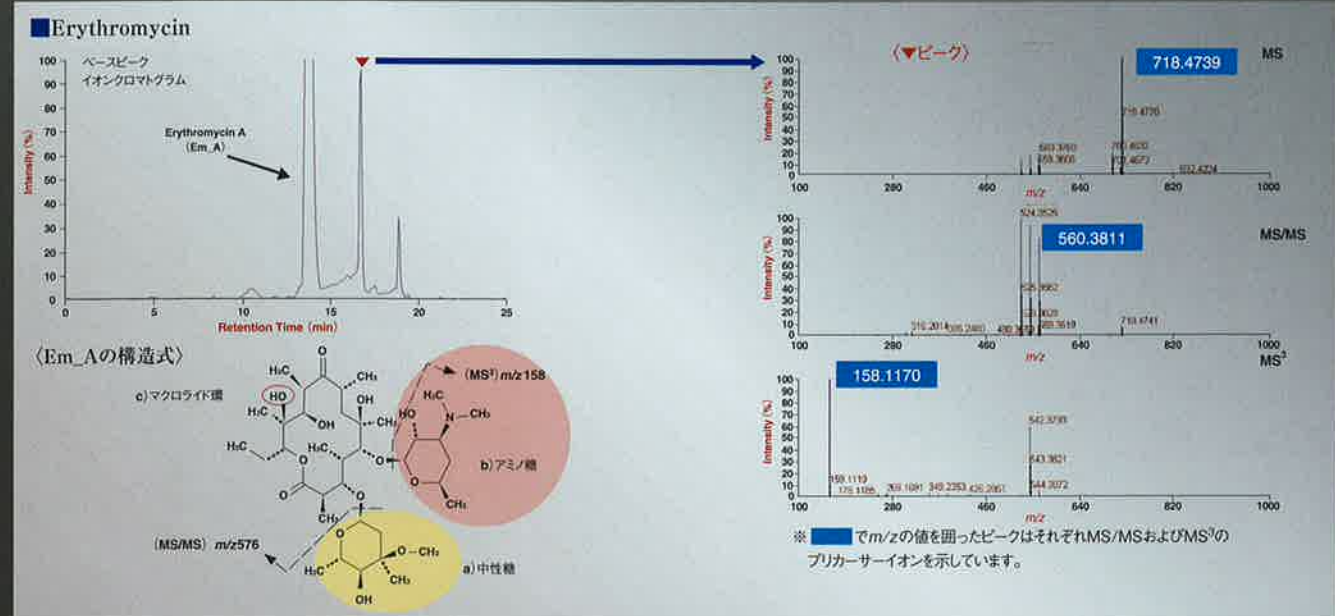



表1)市販Erythromycin中の▼成分の組成式推定表

	Input m/z	Calc.Mass	Error (mDa)	Error (ppm)	Formula	*Isotope Match Score
MS	718.47388	718.47360	0.2752	0.3830	$C_{37}H_{68}NO_{12}$	0.999951
MS/MS	560.38107	560.37931	1.7607	3.1419	$C_{29}H_{54}NO_{9}$	0.997661
MS³	158.11704	158.11756	-0.5183	-3.2782	$C_{8}H_{16}NO_{2}$	0.999067

*Isotope Match Score が1に近いほど理論パターンとの相関が高いことを示します。

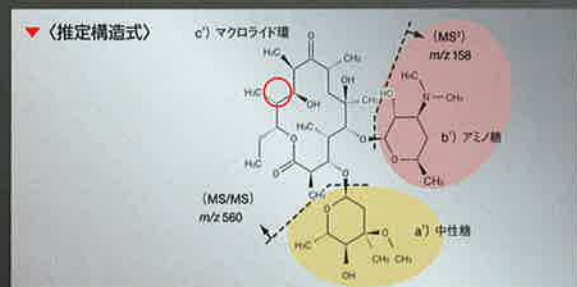
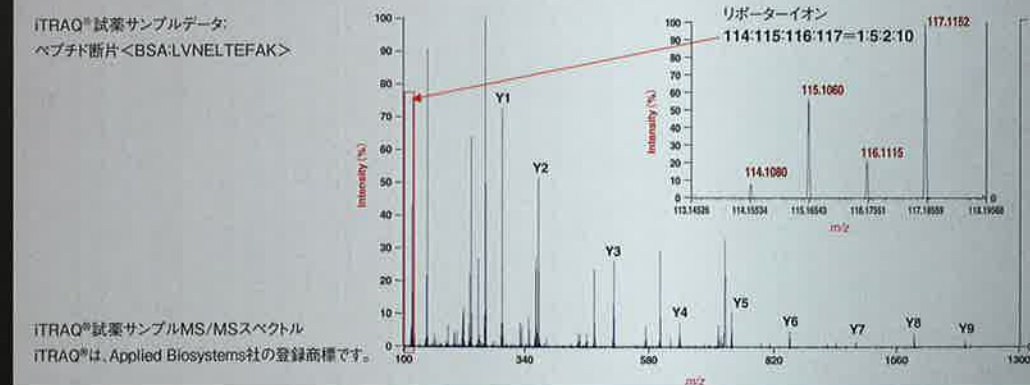
表2)市販Erythromycin中の▼成分のMS/MS、MS³プロダクトイオンとEm_Aとの質量差

	MS (a+b+c)	MS/MS (b+c)	MS³ (b)	a	c	Em_Aとの質量差
Em_A	734.46852	576.37249	158.11681	158.09603	418.25568	–
▼	718.47388	560.38107	158.11704	158.09281	402.26403	c:-16Da

Em_Aの構造式とフラグメントパターンおよび、上記の結果をもとに▼ピークの構造を推定しました。

表1)中のMS/MSのプロダクトイオン(m/z 560)は、a')中性糖 が脱離した(b'+c')に一致し、MS³のプロダクトイオン(m/z 158)は、b')アミノ糖 部分に一致します。

表2)のEm_Aと、▼ピークの質量差16より、▼ピークの成分は、Em_Aのc)マクロライド環から酸素原子が1つ抜けた構造と予想されます。(○で示した箇所)

以上より、▼ピークの成分は、ErythromycinBであると推定することができます。

q-TOFモード

NanoFrontier eLDは、TDC*に替わり新規自社開発の高速ADC (Analog to Digital Converter) を新たな検出系として搭載しています。ADCは検出器へ同時に到達したイオン量をアナログ検出するため、TDCのようなイオンの数え落としがありません。また、広い測定ダイナミックレンジが実現するという特長があり、定量分析への応用も可能です。

* TDC (Time to Digital Converter) は、検出器へ到達したイオンをパルスで検出します。検出器へ到達したイオンが仮に1個であってもその検出が可能ですが、同時に複数のイオンが検出器へ到達した場合、それらを1パルスとして検出するため高濃度サンプル等ではイオンの数え落としが発生し、試料濃度に対する信号強度の追従が悪くなる場合があります。

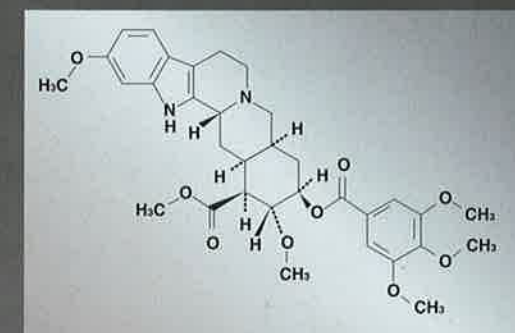
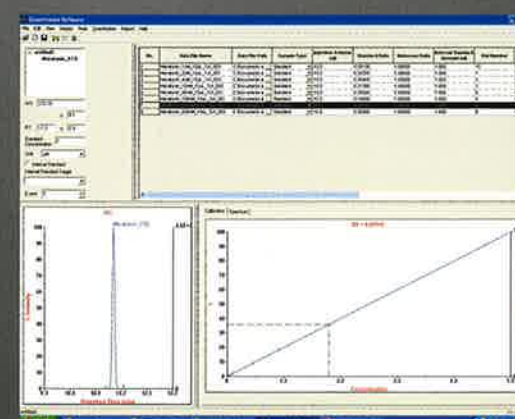
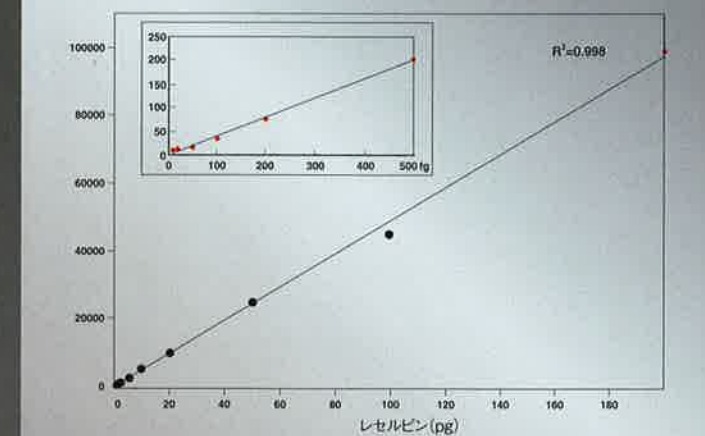
レセルピン 10fg から200pg の測定結果

相関係数R^2=0.998と高い直線性が得られています。

$C_{33}H_{40}N_2O_9$=608.27

■Sample : Reserpine

R^2=0.998

レセルピン(pg)

検量線作成画面

Sample : Melatonin ($C_{13}H_{16}N_2O_2$=232.12)

広いダイナミックレンジにより、プロテオミクスからバイオマーカー探索、代謝物分析などで比較解析、定量分析への応用のほか、より信頼性の高いデータの取得が可能です。

高機能MS/MS解析モード

Target Exclusionモード
Target Inclusionモード
インテリジェントMS/MS解析モード IBA (Information Based Acquisition)
Desorption Peakモード(ニュートラルロスMS³)

Target Exclusion モード

一分析のクロマト溶出時間中に、強度の高いイオンから順にターゲットとしてMS/MS分析する機能です。
一度MS/MS分析したターゲット情報(質量電荷比(m/z)、電荷数、保持時間)をテーブルに保存することで、一定時間、分析のターゲットから除外することができます。
その結果、構造解析の際には、効率良く多くの情報を得ることができます。

Target Inclusion モード

一分析のクロマト溶出時間中に、試料中の既知成分のターゲットピークについて、MS/MS分析する機能です。
あらかじめターゲットピーク(質量電荷比(m/z)、電荷数、保持時間)をテーブルに保存して測定し、収集したマススペクトルの中にターゲット情報と合致するピークが検出されると、自動的にMS/MS分析を実行します。本機能は、IBA測定で得られる内部データベースの情報を、ターゲットとして用いることも可能です。

インテリジェントMS/MS解析モード(IBA)

NanoFrontier eLDの内部データベースを使用することで、選択的なMS/MS分析が可能です。

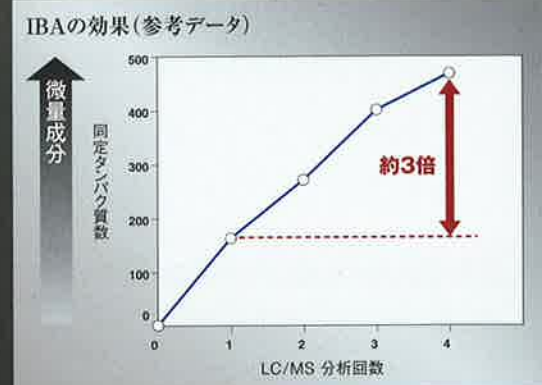
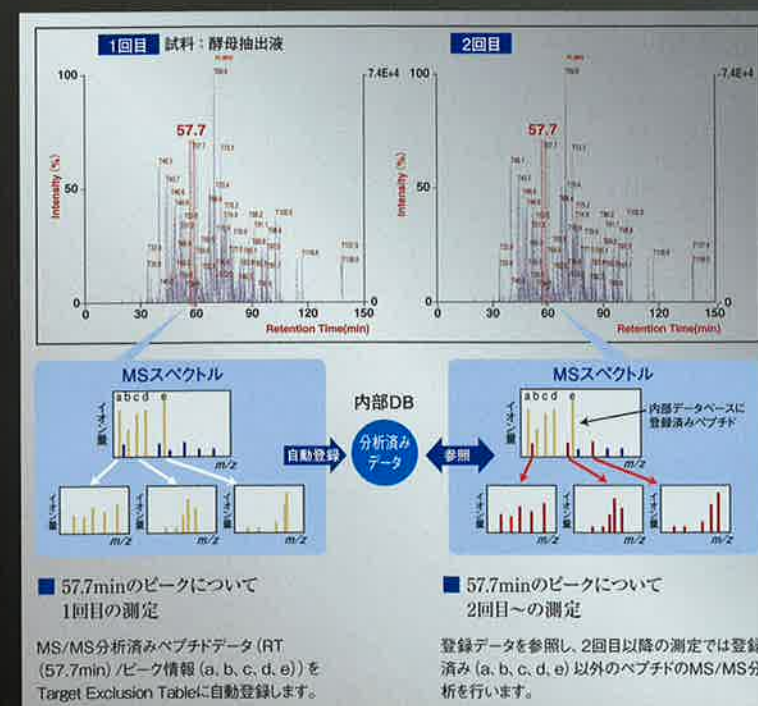
応用例1) 重複したMS/MS分析の回避によるタンパク質同定数の増加

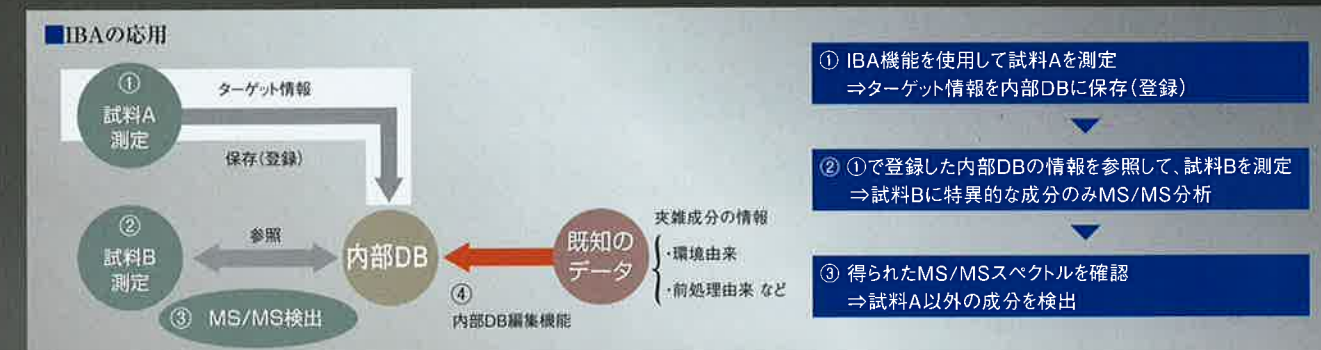
同一試料を繰返し測定する際に、一度MS/MS分析したターゲット成分の情報(質量電荷比(m/z)、電荷数、保持時間)をリアルタイムに内部データベースに自動登録することができます。次の測定からは同一成分の重複測定を回避するため、構造解析のための情報量が増えます。

■57.7minのピークについて 1回目の測定

MS/MS分析済みペプチドデータ(RT(57.7min)/ピーク情報(a, b, c, d, e))をTarget Exclusion Tableに自動登録します。

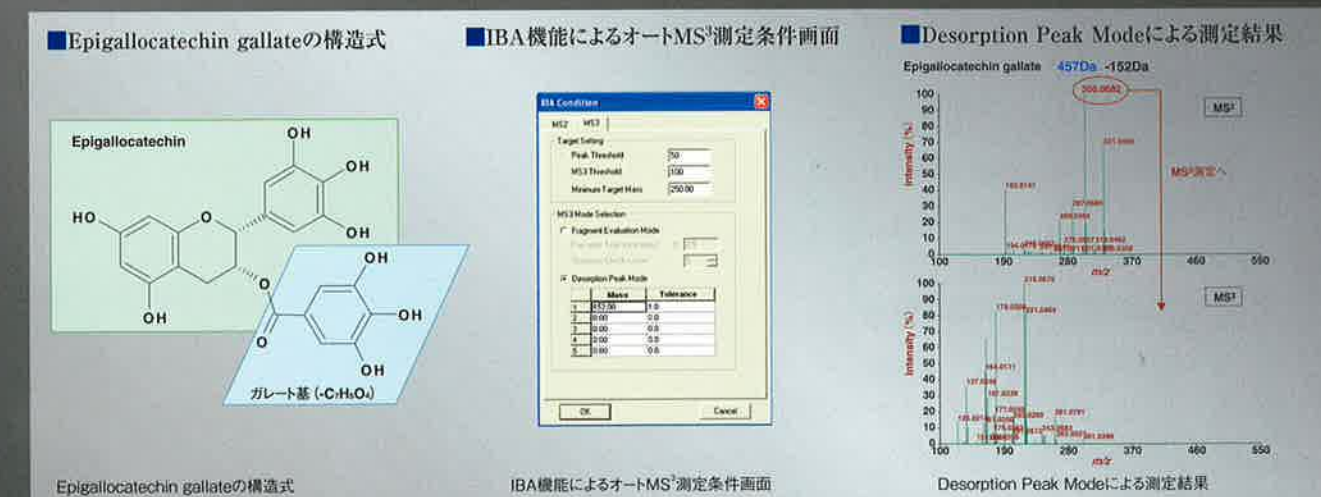
■57.7minのピークについて 2回目～の測定

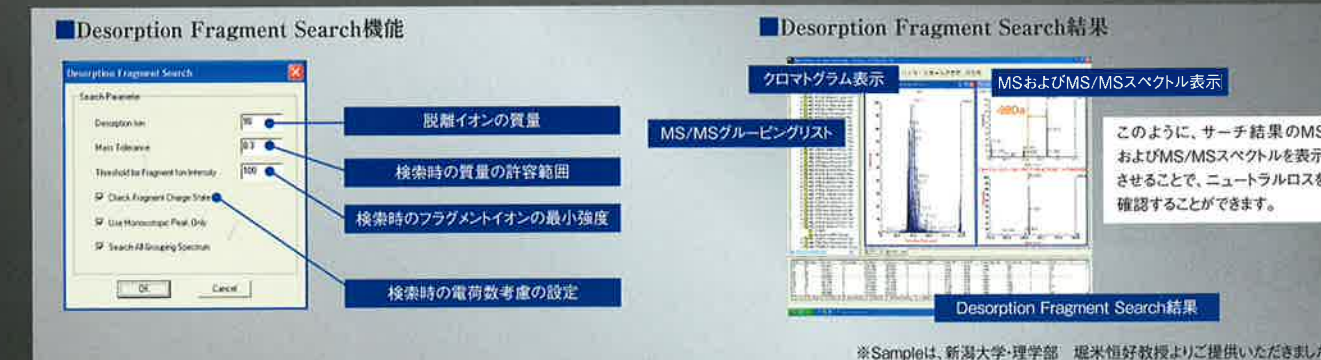
登録データを参照し、2回目以降の測定では登録済み(a, b, c, d, e)以外のペプチドのMS/MS分析を行います。

応用例2) 試料間の比較解析

IBA機能を使用することで、試料A、試料B間の比較解析が可能です。

試料Bの測定では、試料A以外の成分ピークが選択的にMS/MS分析され、試料A以外の成分のみが検出されます。
さらに、④内部DB編集機能を使用することで、既に測定済みの試料との比較解析や、あらかじめ測定試料中に混在しうる夾雑成分情報等を登録し、それらを排除した分析も可能です。

Desorption Peakモード(ニュートラルロスMS³)

指定された質量の脱離イオンが観測されると自動的にオートMS³を行う機能です。パラメーター設定画面中で『Desorption Peak Mode』を指定し、MS/MS分析時にプリカーサーイオンから脱離する質量を入力します。
例) Epigallocatechin gallateの測定では、脱離するガレート基、152Daを指定することで、ガレート基が脱離したイオンをプリカーサーイオンとして、オートMS³測定を行っています。

Epigallocatechin gallateの構造式　IBA機能によるオートMS³測定条件画面　Desorption Peak Modeによる測定結果

MS/MS解析結果からのニュートラルロスサーチ (解析例)

MS/MS測定結果から、ニュートラルロスをサーチすることができます。
アフリカツメガエル卵の可溶性タンパク質を抽出後、リン酸化ペプチドを濃縮し、LC/MS/MS測定をしました。その結果からDesorption Fragment Search機能を用いてニュートラルロスをサーチしました。

※Sampleは、新潟大学・理学部 堀米恒好教授よりご提供いただきました。

システムコントロール、データ解析ソフトウェア

制御部は、見やすく、分かりやすい画面表示となっています。LCの装置条件は、使用するカラムに最適なメソッドをテンプレートファイルとして搭載。ファイルを読み込むことで装置条件が決定します。MSも感度・分解能の自動調整、MS/MS分析の自動化（Auto MS/MS、IBA）など、高機能をスマートに実現します。

システムコントロール

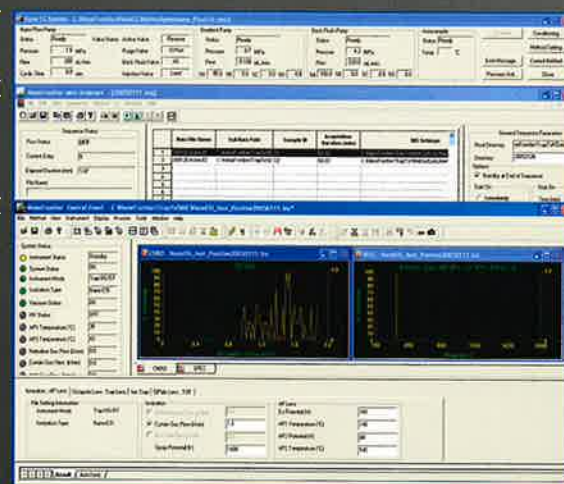
LC コントロール

Sequence Program

Sample ID、LC/MSの分析条件を決定します。このスケジュールに従ってサンプルの測定を行います。

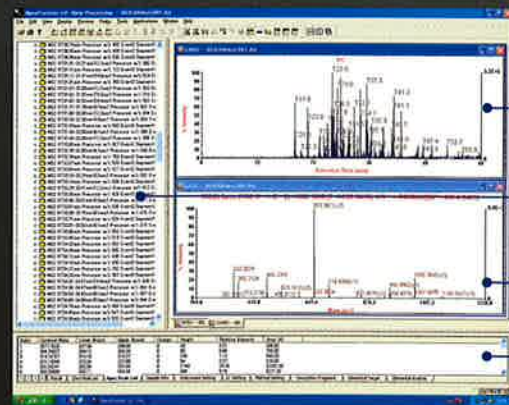
MS コントロール

■MS/MS設定画面

MS Event　MS/MS Event

オートMS/MS条件

データ解析ソフトウェア

タンパク質解析におけるデータベース検索からタンパク質の同定、また、低分子化合物分析における精密質量測定および組成式推定まで目的に応じてサポートします。

■タンパク質

クロマトグラム

MS/MS情報
・ターゲットイオン
・保持時間

マススペクトル

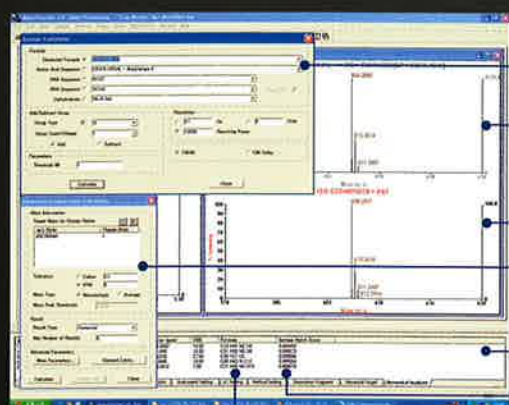
データ情報

ファイル形式
·dat
·mgf
·mzXML
·mzData
·netCDF

データベース検索

オプションソフトウェア
・データベースサーチ
・*De novo* シーケンシング
・同定・量比判定

検索結果例

■低分子化合物

同位体計算機能

測定データ

理論パターン

精密質量検索

精密質量計算結果

「Isotope Match Score」同位体比

組成式推定

・精密質量分析
・組成式推定 etc.

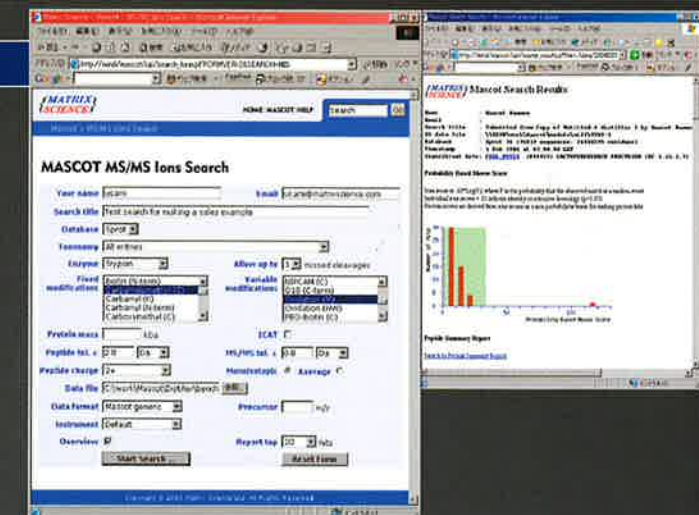
オプションソフトウェア

NanoFrontier eLD

MASCOT®

質量分析計により得られたMS、MS/MSデータから、タンパク質シーケンスのデータベースのサーチを行うことで、タンパク質群の同定を行います。

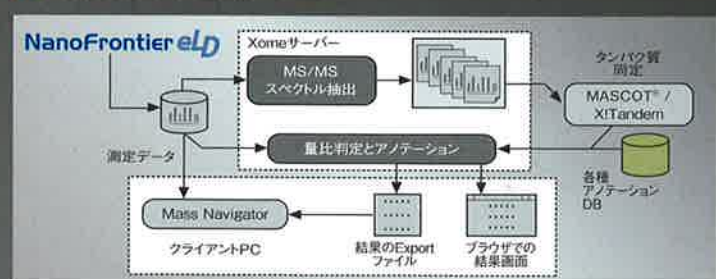
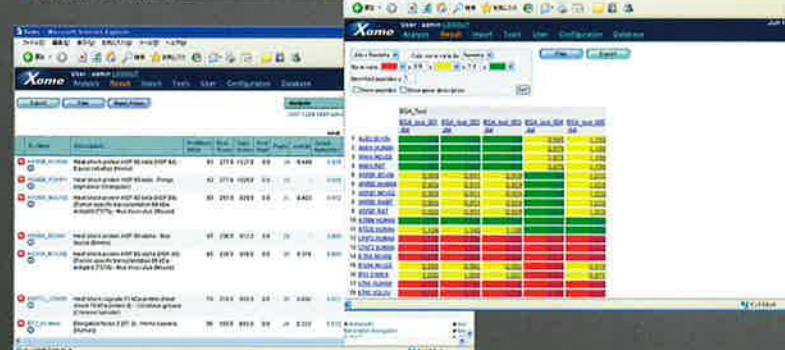
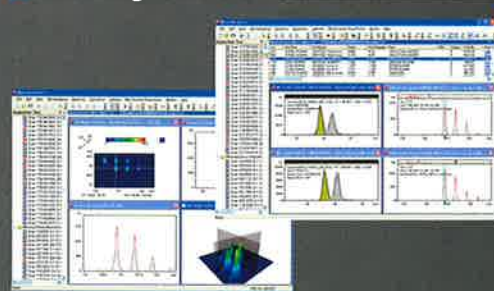
- ペプチドマスフィンガープリントサーチ
- MS/MSイオンサーチ
- タンパク質定量解析
- iTRAQ®定量　　　ほか

各種翻訳後修飾、消化酵素、ミスクリーベージ、検索質量範囲、質量分析装置種類、などのパラメータ設定により検索可能です。
（国内販売会社 ： マトリックスサイエンス株式会社 http://www.matrixscience.com）

PEAKS™

質量分析計により得られたMS/MSデータの解析を行うソフトウェアです。MS/MSデータを基にして候補となるアミノ酸配列、翻訳後修飾の同定を行う *de novo* シーケンシング機能と、シーケンシング結果を既知タンパク質配列と照らし合わせてタンパク質同定を行うデータベース検索機能によって構成されています。生体内ペプチドや、新規タンパク質の配列解析には、MS/MSデータのみから最適な配列を解析する *de novo* シーケンシング機能が有効です。
（開発元 ： カナダ、Bioinformatics Solutions社
国内販売会社：インフォコム株式会社 http://www.infocom.co.jp/bio/）

Xome/Mass Navigator

測定データからMS/MSスペクトルの抽出、タンパク質の同定、量比判定等を自動的に実施します。解析の状況や結果はクライアントPCのブラウザを用いて確認可能です。さらに、解析結果をExportすれば、Mass Navigatorを用いて同定及び、量比判定に寄与したマスクロマトグラムおよびMS/MSスペクトルを効率良く表示することができます。
（国内販売会社：三井情報株式会社 http://bio.mki.co.jp/）

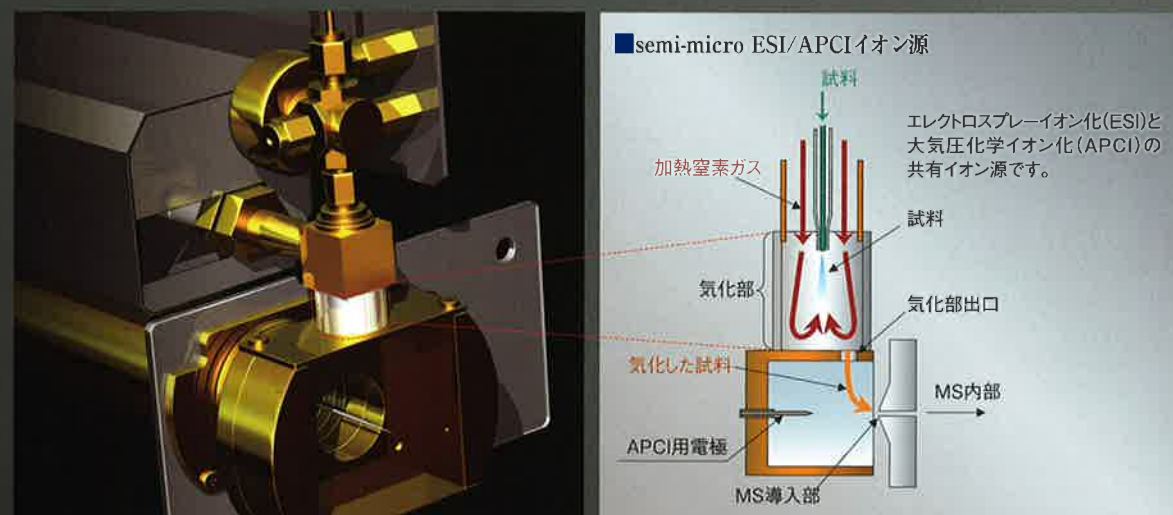
■Xome/Mass Navigatorの概要

■Xomeの画面例

■Mass Navigatorの画面例

ご注意

- XomeおよびMass Navigatorは、平成15～17年度NEDO助成プロジェクト「バイオインフォマティクスと融合した先進的プロテオミクスプラットフォームの創造」において、エーザイ株式会社と三井情報株式会社が共同開発し、三井情報株式会社が販売している製品です。
- MASCOT®はMatrix Science Ltd.の製品です。Xomeには含まれません。別途ライセンスを購入する必要があります。
- X!TandemはThe Global Proteome Machine Organizationが開発したオープンソースソフトウェアです。
- 製品名・会社名等は、各社の商標または登録商標です。

その他のソフトウェアについてもお問い合わせください。

semi-micro ESI/APCI

汚れに強いsemi-micro ESI/APCI

セミミクロ流量でのエレクトロスプレーイオン化(ESI)と大気圧化学イオン化(APCI)分析のためのイオン源です。セミミクロ流量の試料溶液を効率良くイオン化するには、噴霧した試料液滴の乾燥と、気化した試料の拡散防止が重要です。日立のセミミクロイオン源は、新設計の気化部(特許出願中)でこの2点を両立しました。気化部内に測定試料を閉じ込め高温の窒素ガスで攪拌、乾燥を行います。さらに気化部の出口をMS導入部の近傍に配置し、試料のMS部への導入効率を高めました。通常のメンテナンスは真空を落とさずに行うことが可能であり、扱いやすいイオン源になっています。

試料気化部と試料導入部を別々にすることで、試料導入部分の汚れとケミカルノイズを低減、安定した分析が可能です。

nano ESI

より高感度測定が可能なnano ESI

微量サンプルを感度良く測定する際に、低流量nano LCとの組み合わせで使用します。nanoLCとの接続を考慮した設計で、デッドボリュームを最小限に抑え、安定した分析が可能となっています。semi-micro ESI/APCIとの交換は、質量分析計の真空停止なしに行なうことができます。

Liquid Chromatography

高い再現性・安定性で、信頼性の高いLC/MS分析を実現するために、
日立のHPLCをお届けします・・・。

semi-microHPLCシステム

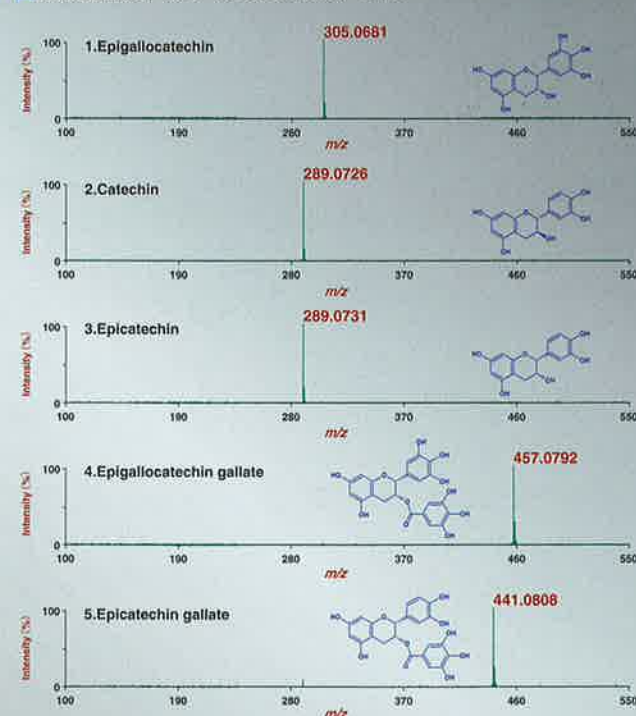
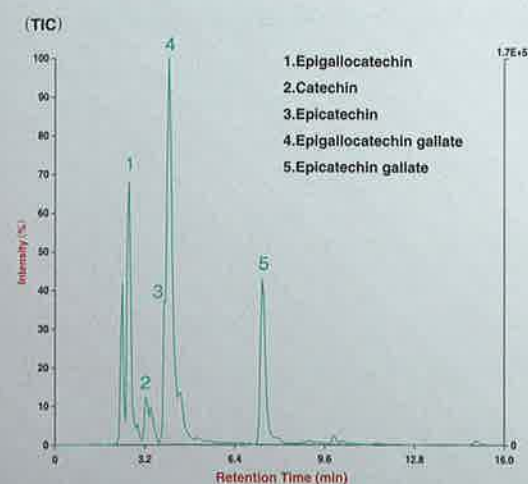
semi-micro分析を確実にサポートします。

システムの特長

- ●L-2100形ポンプは、微量流量域で高精度な送液が可能です。
- ●独自の圧力補正機構により微量送液でも混合比を精密に管理します。
- ●L-2200形オートサンプラは、ダイレクトインジェクション方式を採用して、微量試料の注入を高い再現性で実現しました。
- ●検出器には流量に応じた最適なフローセルを準備しています。
- ●DADにも対応可能です。

セミミクロシステム構成例

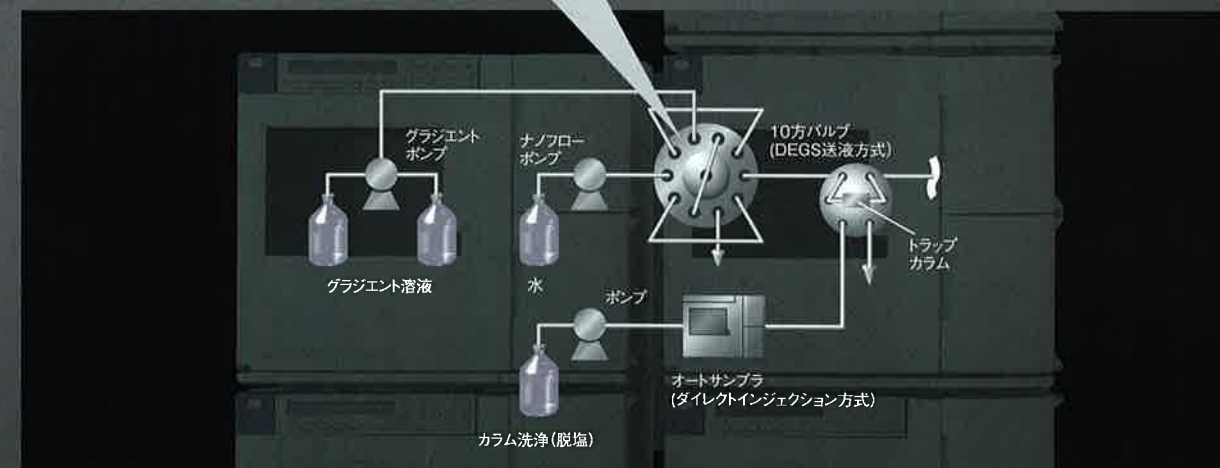
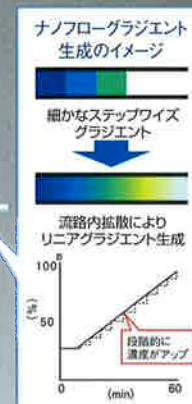
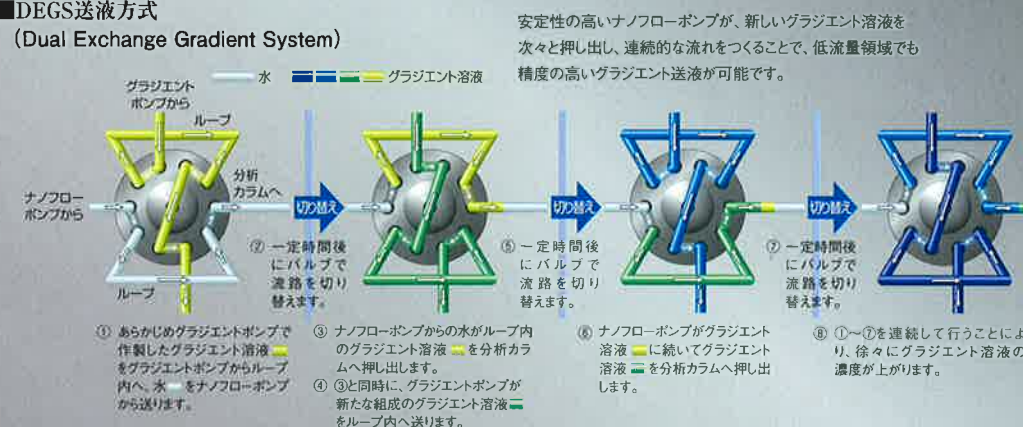
- ●L-2100形ポンプ×2台
- ●デガッサ®
- ●L-2300形カラムオーブン
- ●セミミクロフローセル
- ●L-2100用高圧グラジエントユニット
- ●L-2200形オートサンプラ
- ●L-2400形UV検出器
- ●オーガナイザ

デガッサ®は、株式会社イーアールシーの登録商標です。

HPLCの構成は、サンプル、測定目的に応じて組み合わせ可能です。

ナノフローHPLCシステム

NanoFrontier eLD

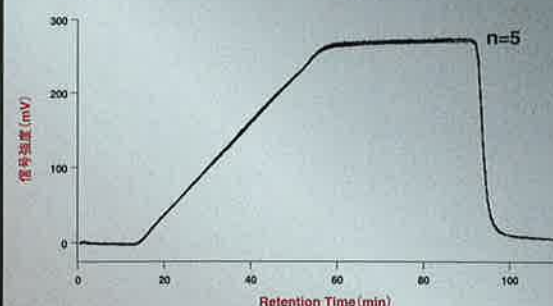
nanoLCは、グラジエントプログラムに基づいて溶離液を作製するグラジエントポンプと、低流量(50nL/min~)で送液するナノフローポンプで構成されています。低流量50nL/minからの安定したグラジエント送液を実現したのは、スプリットレスによる日立独自の送液方式DEGS(Dual Exchange Gradient System〈特許出願中〉)によるものです。

50nL/minのグラジエント送液で世界最高レベルの再現性を実現

オートサンプラ(ダイレクトインジェクション方式)

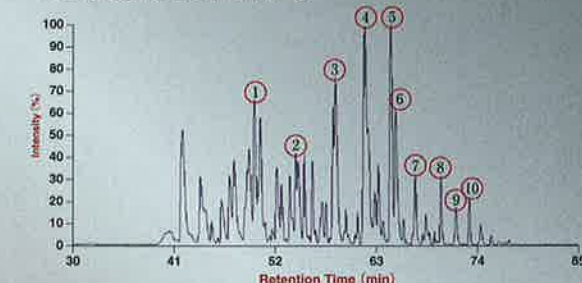
サンプル注入時、サンプリングニードルが流路の一部となるダイレクトインジェクション方式を採用。ニードルに吸引した量をそのまま流路に導入できるため、貴重な微量サンプルの測定に威力を発揮します。またサンプルはトラップカラムに一旦保持して洗浄、濃縮後、分離カラムに導入します。界面活性剤の除去、脱塩は、オンラインで可能です。

※オートサンプラはサンプルの劣化を防ぐために冷却機構を備えています。

再現性の良い安定した分析

■グラジエント再現性(n=5)

[条件] 流　量: 50nL/min
移動相: A〈水〉、B〈80%CH_3CN 50mg/mLカフェイン含有〉
グラジエント条件: A/B=90/10(0min)→0/100(40min)
検　出: UV273nm(セル容量31nL、光路長2mm)

■50nL/minでのnanoLC/MS測定例

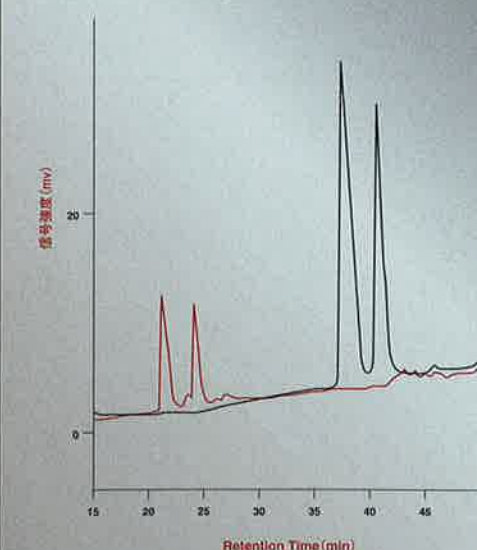
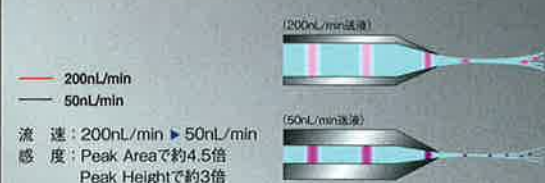
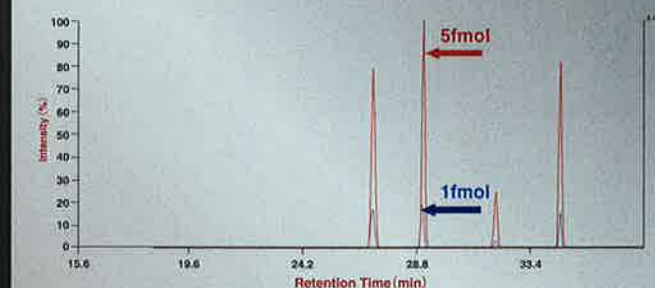
サンプル:BSAトリプシン消化物 (n=6)

[条件] 流　量: 50nL/min
分離カラム: Monolith Column
移動相: A)0.1%ギ酸 in 2%アセトニトリル水溶液
B)0.1%ギ酸 in 98%アセトニトリル水溶液
グラジエント条件: A/B=98/2(0min)-60/40(60min)-2/98(60.1-70min)

ピークNo.	1	2	3	4	5
保持時間 (min)	49.08	54.48	57.95	61.26	63.93
m/z	511.63	583.9	653.34	526.28	582.32
保持時間RSD (%)	0.64	0.63	0.56	0.54	0.55
ピークNo.	6	7	8	9	10
保持時間 (min)	64.5	66.66	69.55	71.25	72.73
m/z	473.94	507.84	740.36	820.1	746.35
保持時間RSD (%)	0.47	0.46	0.41	0.35	0.36

各ペプチドの保持時間再現性 (n=6)

感度比較

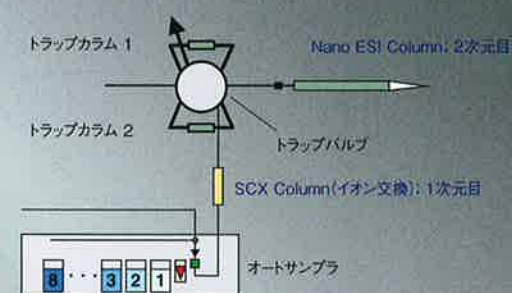
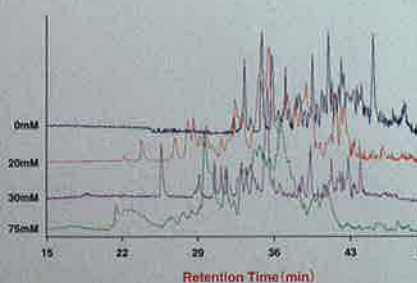
■200nL/min VS 50nL/min

サンプル:Angiotensin I、III(2.5pmol)

■BSA1fmol、5fmolのマスクロマトグラム〈m/z 395.2、461.7、464.2、554.7〉

[条件] 流　量: 200nL/min
分離カラム: C_{18}系3μm(0.075mmI.D.×100mmL)
トラップカラム: Monolith Trap(0.050mmI.D.×150mmL)
移動相: A)0.1%ギ酸 in 2%アセトニトリル水溶液
B)0.1%ギ酸 in 98%アセトニトリル水溶液
グラジエント条件: A/B=98/2(0min)-60/40(60min) -2/98(60.1-70min)
サンプル: BSAトリプシン消化物

2次元LC/MSシステム

あらかじめ酵素消化したクルードなタンパク質を、イオン交換(SCX)と逆相(ODS)の2つの分離モードで分離することで、検出が困難であったマイナー成分の同定や、電気泳動では分離が難しいとされている膜タンパク質、塩基性・酸性タンパク質、不溶性のタンパク質などの同定にも応用可能です。

※2次元LCシステムへの変更は配管、カラム接続、ソフトウェアの変更のみで容易に行えますので、必要に応じてシステムの切り替えが可能です。

■2次元LC流路図

標準仕様

設置条件

電　源	NanoFrontier eLD MS部	単相200V×20A(ブレーカー付き)
	データ処理部	単相100V×5A
	窒素ガス発生装置(参考品)	単相100V×15A(お客様準備品)

付帯設備

空調設備	温度22～27℃(変動 2℃/日以下)

ガス種類

窒　素	圧力0.65MPa、最大流量2.5L/min (セミミクロESI使用時 :22.5L/min) 純度99%〈窒素ガス発生装置使用時〉 純度99.95%以上〈窒素ボンベ使用時〉
ヘリウム	圧力0.35MPa、最大流量10mL/min 純度99.9999%以上

装置質量(nanoLC仕様の場合)

A:NanoFrontier eLD MS部	450kg
B:LC部	85kg
C:データ処理部	20kg
D:ロータリーポンプ	D1:44kg　D2:29kg
E:窒素ガス発生装置(参考品)	90kg(お客様準備品)